第 28 卷 第 4 期 昆 虫 学 报 Vol. 28, No. 4
1985 年 11 月 ACTA ENTOMOLOGICA SINICA Nov., 1985

钩翅蛾科亚科的系统演化

朱弘复 王林瑶
（中国科学院动物研究所）

过去文献中曾有谑言：如果孟德尔到现代遗传学试验室，他将茫然不知所措；而林奈则仍可坐下做分类学工作。颇有讽刺意味。这是说分类学工作仍沿着林奈的基本方法在做工作，变动不大。这些话过去是如此，现在可不同了。近二、三十年来，分类学大有革新，我在前一篇论文《中国蝙蝠蛾属支序分类》（动物分类学报 9(4)：397—401）中已经扼要地介绍过一些情况，在此不再重复。

本文是将钩翅蛾的亚科用支序分类方法研究其系统演化关系。在蝙蝠蛾这篇支序分类中，已采用了两种方法，本文将再选用另两种方法，以资对照比较。也是初作尝试，供国内同行参考。Hennig 的支序原理是六十年代产物，一、二十年来，经过后人推敲，大有进展。表面上似乎面貌全非，实际上还是在支序原理上推进的。国内的分类学者以及数值分类学者更可在此基础上发扬光大，独创一格。这是作者衷心的希望。

一、Kluge and Farris 计算方法

（一）材料及代号

A—圆钩翅蛾亚科 Cyclidiinae（已升为科）

B—山钩翅蛾亚科 Oretinae

C—钩翅蛾亚科 Drepaninae

M—外群：尺蛾科 Geometridae

（二）特征代号及其分析

1. 特征代号

1—下唇须

2—喙

3—触角栉

4—翅缰

5—听器

6—第二腹节感毛簇

7—后足胫距

8—幼虫腹足

2. 特征分析：与外群尺蛾科比较：下唇须发达为祖征；喙发达为祖征；触角单栉状为祖征；翅缰发达为祖征；听器位于腹面为祖征；第二腹节感毛簇不发达为祖征；后足胫距两对为祖征；幼虫腹足五对为祖征。

本文于 1984 年 4 月收到。

单元	特征矩阵（0 祖征；1 衍征）							
	1	2	3	4	5	6	7	8
M	0	0	0	0	0	0	0	1
A	0	0	0	0	1	1	0	0
B	1	1	1	1	1	0	1	1
C	0	0	1	1	1	0	0	1

(1) 计算每单元与外群差距：

$$D(A, M) = \sum_i |X(A, i) - X(M, i)|$$
$$= |0-0| + |0-0| + |0-0| + |0-0| + |1-0| + |1-0| + |0-0| + |0-1| = 3$$

$$D(B, M) = \sum_i |X(B, i) - X(M, i)|$$
$$= |1-0| + |1-0| + |1-0| + |1-0| + |1-0| + |0-0| + |1-0| + |1-1| = 6$$

$$D(C, M) = \sum_i |X(C, i) - X(M, i)|$$
$$= |0-0| + |0-0| + |1-0| + |1-0| + |1-0| + |0-0| + |0-0| + |1-1| = 3$$

(2) 单元 *A* 与 *C* 差距相同，可以任取其中一单元，
即取 *C*，连接在 *M* 上，形成空隙 INT (*C*)（图 1)。

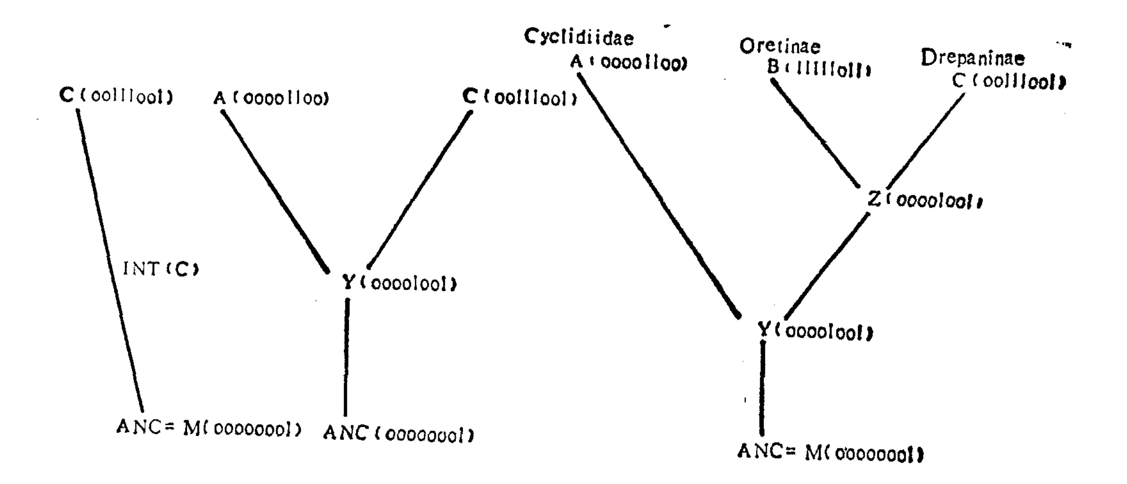


图 1　　　图 2　　　图 3

(3) 单元 *A* 的差距小于 *B*，把 *A* 连接在 INT (*C*) 上(图 2)。

求 *Y*：
M	0	0	0	0	0	0	0	1
A	0	0	0	0	1	1	0	0
C	0	0	1	1	1	0	0	1
Y	0	0	0	0	1	0	0	1

(4) 现只剩下单元 B，共有三个空隙：INT(A)，INT(C)，INT(Y)，计算三个空隙与 B 的差距：

$$D[B, \mathrm{INT}(A)] = \frac{D(A, B) + D(B, Y) - D(A, Y)}{2}$$

$$D(A, B) = |0-1| + |0-1| + |0-1| + |0-1| + |1-1| + |1-0| + |0-1| + |0-1| = 7$$

$$D(B, Y) = |1-0| + |1-0| + |1-0| + |1-0| + |1-1| + |0-0| + |1-0| + |1-1| = 5$$

$$D(A, Y) = |0-0| + |0-0| + |0-0| + |0-0| + |1-1| + |1-0| + |0-0| + |0-1| = 2$$

$$\therefore\ D[B, \mathrm{INT}(A)] = \frac{7+5-2}{2} = 5$$

$$D[B, \mathrm{INT}(C)] = \frac{D(C, B) + D(B, Y) - D(C, Y)}{2}$$

$$D(C, B) = |0-1| + |0-1| + |1-1| + |1-1| + |1-1| + |0-0| + |0-1| + |1-1| = 3$$

$$D(B, Y) = |1-0| + |1-0| + |1-0| + |1-0| + |1-1| + |0-0| + |1-0| + |1-1| = 5$$

$$D(C, Y) = |0-0| + |0-0| + |1-0| + |1-0| + |1-1| + |0-0| + |0-0| + |1-1| = 2$$

$$\therefore\ D[B, \mathrm{INT}(C)] = \frac{3+5-2}{2} = 3$$

$$D[B, \mathrm{INT}(Y)] = \frac{D(B, Y) + D(B, M) - D(Y, M)}{2}$$

已知 $D(B, Y) = 5$，$D(B, M) = 6$

$$D(Y, M) = |0-0| + |0-0| + |0-0| + |0-0| + |1-0| + |0-0| + |0-0| + |1-1| = 1$$

$$\therefore\ D[B, \mathrm{INT}(Y)] = \frac{5+6-1}{2} = 5$$

根据上面计算结果，得到 $D[B, \mathrm{INT}(C)] = 3$ 为最小值，说明 B 与 C 近而与 A 远，所以支序图为图 3，即把 B 连在 INT(C) 上，求 Z 值：

A	0	0	0	0	1	1	0	0
C	0	0	1	1	1	0	0	1
M	0	0	0	0	0	0	0	1
Z	0	0	0	0	1	0	0	1

二、Nelson and Platnick 方法(本文作者略加修改)

(一)特征代号

1—下唇须细长，达额上方

2—下唇须扁宽，达额下方

3—下唇须细长，达额中部

4—喙发达或退化

5—触角叶片状，节叶不长于节长

6—触角叶片状，节叶长于节长一倍以上

7—触角栉状，尖端呈鞭状

8—翅缰存在或退化

9—后翅 $SC+R_1$ 与中室及 R_s 接近或离开

10—前翅顶角钩状不明显或明显

11—第二腹节下侧有发达的感毛簇

12—后足胫距两对

13—幼虫腹足 5 对全发达

14—前后翅均缺 Cu_2

15—腹听器位于背面

16—前翅 M_2 与 M_3 在基部接近

17—幼虫第 13 节无腹足，臀部在休息时举起

（二）特征分析

支序图的组合。支序图的组合比较复杂，Cavalli-Sforza 及 Edwards (1967) 曾用数学方法作了计算，数目十分庞大。依照本文作者用代数上组合公式

$$ {}_nP_n = n(n-1)(n-2)\cdots 3\times 2\times 1 $$

计算（须扣除其本质相同的组合次数），也是巨大数字。但本文三亚科的组合

$$ 3\times 2\times 1=6, $$

数目有限，再扣除其中两个相同的组合，则仅有四个。从表 1 中标明其正负特征，如图 4—7。

表 1　特征出现的正负次数（特征 14—17 未计在内）

亚科	特征												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
A	+	−	−	+	+	−	−	+	+	−	+	+	+
B	−	+	−	−	−	+	−	−	−	+	−	−	−
C	−	−	+	+	−	−	+	+	−	+	−	−	−

从表 2 可以看出支序图 4 有正号 15，负号 17；图 5 有正号 14，负号 21；图 6 有正号 16，负号 21；图 7 有正号 16，负号 23；表 1 有正号 16，负号 23。

不同的出现次数表示着支序图对原始信息的综合。其中出现总次数最少的，可以判断为最有效的分析。理由是：凡是特征在各支序图中出现次数多的，意味着其差别关系较小；而出现次数少的，表示其差别关系较大。在这种意义下，支序图 4 最为合用。特征 14—17 为共同特征，所以未计在内。

从支序图 4 表明 B 与 C 两亚科的亲缘较近，亚科 A 则与 B 或 C 关系较远。

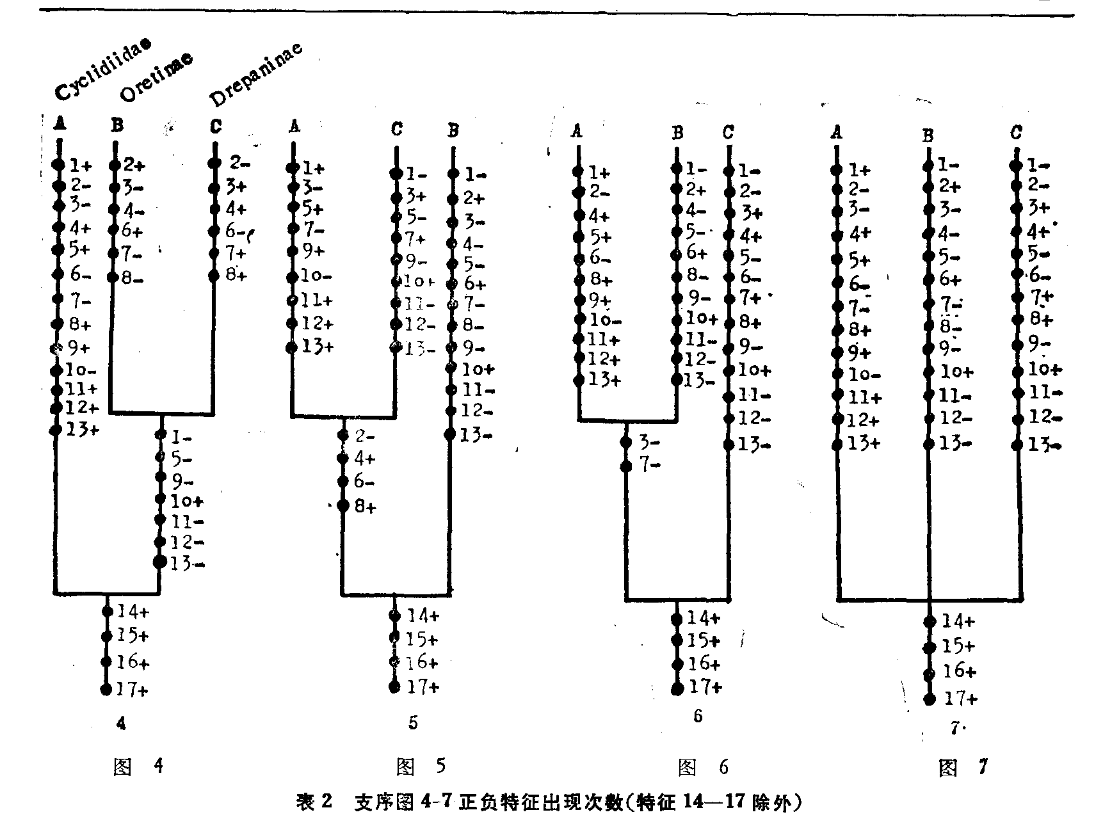


图 4　　图 5　　图 6　　图 7

表 2　支序图 4-7 正负特征出现次数(特征 14—17 除外)

支序图	正出现特征数													
	1+	2+	3+	4+	5+	6+	7+	8+	9+	10+	11+	12+	13+	共
4	1	1	1	2	1	1	1	2	1	1	1	1	1	15
5	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1	1	1	14
6	1	1	1	2	1	1	1	2	1	2	1	1	1	16
7	1	1	1	2	1	1	1	2	1	2	1	1	1	16
表 1	1	1	1	2	1	1	1	2	1	2	1	1	1	16

支序图	负出现特征数														
	1-	2-	3-	4-	5-	6-	7-	8-	9-	10-	11-	12-	13-	共	总出现数
4	1	2	2	1	1	2	2	1	1	1	1	1	1	17	32
5	2	1	2	1	2	1	2	1	2	1	2	2	2	21	35
6	2	2	1	1	2	2	1	1	2	1	2	2	2	21	37
7	2	2	2	1	2	2	2	1	2	1	2	2	2	23	39
表 1	2	2	2	1	2	2	2	1	2	1	2	2	2	23	39

三、讨论

1. 在近年发表的演算方法中，我在前一篇《蝙蝠蛾的支序分类》论文中，已引用了两个方法，在本文中又引用了两个方法，这些方法都是支序分类学中近年发展出来的。

本文的两个方法，第一方法很烦琐，而且有时不能适用；第二方法较为客观和稳定，而且已经提到信息的高度。在尽可能的许多排列中，用数值来比较和选择出一个最合理的

支序图。但也有缺点，即是分类单元较多时，几非人力所能做到，除非将来用电子计算机协助进行，才可达到目的。到现在为止，没见到有人应用此法。

2. 钩翅蛾三个亚科中，井上宽（1962）曾提出把圆钩翅蛾亚科提升为科（Cyclidiidae）。根据本文分析三亚科的亲缘关系，圆钩翅蛾科在支序图 3 及 4 中是独立一支，与原理是符合的。按照国际命名法规把一个科分成几个科，只要原科属的模式标本不在此新类群内，是可以的。并不违背法规原则。圆钩翅蛾科有其特点，但也有其与其他二亚科的共同点（如特征 14-17）。

参　考　文　献

朱弘复 1984 中国蝙蝠蛾属支序分类。动物分类学报 **9**(4)：397—401。
Farris, J. S. 1980 The information content of the phylogenetic system. *Syst. Zool.* **28**: 483—519.
Fletcher, D. S. 1979 The generic names of moths of the world. Vol. 3, Gerfetroidea. 243 pp.
Inoue, H. 1962 Lepidoptera: Cyclidiidae, Drepanidae Insecta Japonica Ser. 2, Pt. 1, 54 pp.
Kluge, A. G. and J. S. Farris 1969 Quantitative phyletics and evolution of anurans. *Syst. Zool.* **18**: 1—32.
Nelson, G. and N. Platnick 1981 Systematics and biogeography. Cladistics and Vicariance. 567 pp.
Wiley, E. D. 1979 Cladograms and phylogenetic trees. *Syst. Zool.* **28**: 88—92.

THE PHYLOGENY OF THREE SUBFAMILIES OF THE DREPANIDAE (LEPIDOPTERA)

CHU H. F.　　WANG L. Y.
(Institute of Zoology, Academia Sinica)

The authors are working on the Drepanidae of China. There are three subfamilies altogether (one has been promoted to family rank). A phylogenetic study on these subfamilies and a family, by means of two different analytic methods, is given in this paper. The results obtained are shown in the cladograms 3 and 4. The results of two different analytic methods are agreeable and the relationships of Cyclidiidae, Oretinae and Drepaninae are clearly shown in congruence. Both analytic methods are prohibitively complex, if unadded by a computer.